

2012/05/01 周报

本周工作：

本周我主要把精力投入于 PBA 算法在胶质瘤靶区设定的应用之上。在仔细研究了 PBA 算法之后，我发现几个难点使得直接在原算法上进行修改变得比较困难。第一，PBA 的数据结构为 `binary image` 如果要考虑遮挡物势必得改变原有的结构或者开辟新的空间。第二，PBA 算法基于 `pixel` 级进行三个方向的扫描，这个过程难以实现求交。第三，如果要在 `gpu` 上自己实现八叉树算法，这个代价不小，而且正确性难以保证，`vtk` 提供了 `octree` 的结构，直接使用它所提供的结果，虽然是在 `cpu` 上运行，但是效率和正确性都会有所保证。

综合考虑，我们打算分两步走，首先用 `pba` 算法得到三维空间的 `voronoi` 图，这一部分是在 `GPU` 中完成，速度也很快。第二步，在 `cpu` 中完成靶区生长。这过程中我用了 `VtkcellLocator` 这个容器，它是基于八叉树完成对空间分割，利用它所提供对函数便能实现求交计算。我根据先前的胶质瘤生长算法，对靶区进行了生长。虽然达到了得到了结果，但是整体速度较之前并没有较大的提升。主要原因是，中间重复求交过程太多，这占用了大部分的时间，在经过解聪对遍历空间的优化之后，大大提升了速度，整体速度提升了几十倍。效果图见最后，不过此过程还存在不少问题。

一， 原 PBA 算法是各向同性地生长，各个方向的 `spacing` 都为 1，但是医学数据中 `spacing` 往往都不相同的，因此如果要把这个方法直接应用到胶质瘤的项目中，会存在不少误差。我

尝试过在第二阶段把 **spacing** 考虑进去,但是得到的效果并不是很好,这个问题还需要继续探究一下。

二, 对数据维度的限制,目前的显卡只能之处 $256*256*256$ 大小的体数据,而医学数据往往在 **x,y** 维度上的分辨率都会 **512**,所以不得不先进行降采样,这样得到的结果也会存在一定的误差。

下周工作:

- 1, 改进算法,在速度上看是否还有提升地空间。
- 2, 考虑应用于胶质瘤项目的各项可行性。
- 3, 准备编写教材,这个工作得抓紧开始落实,论文已经有个初步的结果,接下去的一些改进工作也可以让解聪去完成。

